



FONDAZIONI IN RETE
PER LA RICERCA
AGROALIMENTARE

Atti del Convegno finale progetto AGER-SERRES

“Selezione di nuovi portainnesti della vite resistenti a stress abiotici mediante lo sviluppo e la validazione di marcatori fisiologici e molecolari”



Villa Braida - Mogliano Veneto (TV), 3 dicembre 2014



Università degli Studi
di Milano



Università degli Studi
di Padova



Università degli Studi
di Torino



Università cattolica del
Sacro Cuore (PC)



Centro di Ricerca per la
Viticultura di Conegliano (TV)



FEEM
Fondazione Eni
Enrico Mattei

Poster 19
WP 2, Azione 4

DEFINIZIONE E UTILIZZO DI UNA CORE COLLECTION DI GERMOPLASMA PER L'IDENTIFICAZIONE DI GENI ASSOCIATI ALLA RISPOSTA DIFFERENZIALE ALLO STRESS IDRICO IN VITIS.

Francesco Emanuelli¹⁻², Daniele Grossi², Giovambattista Simone Di Lorenzo², Lucio Brancadoro², Attilio Scienza², Osvaldo Failla², M. Stella Grando¹

¹Centro Ricerca e Innovazione, Fondazione Edmund Mach (FEM), San Michele all'Adige (Trento)

²DiSAA, Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali – Produzione, Territorio, Agroenergia, Università degli Studi di Milano, via G. Celoria, 2, 20133, Milano, Italia

Nelle collezioni europee di germoplasma viticolo sono conservati numerosi materiali di breeding che non hanno trovato impiego o hanno avuto una breve storia di coltivazione nel periodo post-fillosserico. Nuove introduzioni di specie selvatiche come *V. rupestris*, *V. riparia*, *V. cinerea* e ibridi interspecifici sono poi avvenute nel corso del tempo, sia per lo scambio di materiali tra istituzioni europee che per l'intensificazione dei rapporti con centri americani e asiatici. Questo germoplasma rappresenta una fonte di caratteri utili per il miglioramento genetico dei portinnesti, soprattutto se i caratteri di interesse vengono associati a specifici marcatori del DNA.

Nell'ambito del progetto AGER-SERRES, sulla base di alcuni parametri genetici, è stato assortito un gruppo di individui di origine selvatica e ibridi interspecifici che racchiudono l'intera diversità genotipica delle 310 accessioni di *Vitis non-vinifera* mantenute nella collezione di germoplasma FEM. Questa *core-collection* ampliata con alcuni portinnesti commerciali oltre ai genotipi della serie M, è stata replicata e allevata in vaso per essere valutata in condizioni di stress idrico semi-controllato, rilevando le risposte fisiologiche e la cinetica di crescita delle piante come descritto nel contributo di Grossi *et al.* Parallelamente, i 96 individui sono stati caratterizzati a livello di intero genoma tramite il *Vitis* SNP Chip Illumina 20K, e risequenziando tre geni candidati coinvolti nel controllo della risposta allo stress idrico in vite, per un totale di 23 Kb incluse le regioni del promotore. Per lo studio di associazione, circa 13.000 polimorfismi di singolo nucleotide (SNP) sono stati messi in relazione con i vari sotto-tratti misurati nel corso dell'esperimento di stress idrico in 6 piante di ciascun genotipo, considerando gli effetti della struttura genetica della popolazione e del grado di parentela tra le accessioni. Data la natura poligenica dei tratti fenotipici in studio ed il rapido decadimento del Linkage Disequilibrium in vite riscontrato anche nel presente lavoro, il numero di SNP analizzato si è rivelato ancora insufficiente per evidenziare associazioni con la maggior parte dei caratteri considerati. Tuttavia un risultato incoraggiante è emerso ed è stato successivamente confermato con l'applicazione di vari

modelli statistici. Si tratta di un'associazione significativa tra la variazione di sequenza di un gene coinvolto nell'osmoregolazione ed il tratto "chiusura stomatica in condizioni di stress idrico intenso (30% CC)". Consultando le sequenze dei genomi dei portinnesti M1, M4 e 101-14Mgt prodotte dal laboratorio del Prof. Valle al CRIBI dell'Università di Padova nell'ambito del progetto AGER-SERRES, è stato possibile individuare alcune mutazioni candidate che potrebbero alterare la funzionalità del gene. Il marcatore SNP è risultato predittivo del comportamento di regolazione stomatica in condizioni di stress idrico intenso anche nel gruppo di piante sottoposte a stress idrico controllato in un secondo esperimento condotto nell'estate 2013. In attesa di poter ripetere l'analisi di associazione impiegando un numero più elevato di polimorfismi genetici, questo risultato appare di notevole interesse sia per la comprensione del controllo genetico di una strategia di risposta allo stress idrico attivata dalla vite che per la sua possibile applicazione pratica nella selezione precoce di portinnesti resistenti nei programmi di miglioramento genetico.